

## 甘蓝、菜豆和玉米不同轮作组合对淡褐土细菌群落和作物产量的影响

王天乐, 王晓娟, 刘恩科, 史向远

### 引用本文:

王天乐, 王晓娟, 刘恩科, 等. 甘蓝、菜豆和玉米不同轮作组合对淡褐土细菌群落和作物产量的影响[J]. 农业环境科学学报, 2022, 41(2): 375–386.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-1258>

## 您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

### 作物轮作对谷田土壤理化性质及谷子根际土壤细菌群落的影响

牛倩云, 韩彦莎, 徐丽霞, 张艾英, 仪慧兰, 郭二虎

农业环境科学学报. 2018, 37(12): 2802–2809 <https://doi.org/10.11654/jaes.2018-0128>

### 铅对土壤细菌群落组成的影响研究

安凤秋, 吕家珑, 刁展, 李海红, 赵琪琪

农业环境科学学报. 2018, 37(2): 268–275 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-0960>

### 规模猪场机械通风育肥舍氨气产生及排放研究

刘杨, 尚斌, 董红敏, 陶秀萍, 徐文倩, 杨培媛

农业环境科学学报. 2020, 39(9): 2058–2065 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0178>

### 有机-无机肥配施对麦玉轮作土壤中细菌氮循环功能基因的影响

胡荷, 吴宪, 赵建宁, 杨殿林, 王丽丽, 李刚, 修伟明

农业环境科学学报. 2021, 40(1): 144–154 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0700>

### 溶磷真菌固体发酵菌肥对玉米生长及根际细菌群落结构的影响

陈莎莎, 孙敏, 王文超, 李真, 王世梅, 戴乐天, 徐阳春

农业环境科学学报. 2018, 37(9): 1910–1917 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-1629>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

王天乐, 王晓娟, 刘恩科, 等. 甘蓝、菜豆和玉米不同轮作组合对淡褐土细菌群落和作物产量的影响[J]. 农业环境科学学报, 2022, 41(2): 375–386.

WANG T L, WANG X J, LIU E K, et al. Effects of different crop rotation combinations of cabbage, kidney bean, and maize on bacterial community and crop yield in light brown soil[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2022, 41(2): 375–386.



开放科学 OSID

# 甘蓝、菜豆和玉米不同轮作组合对淡褐土细菌群落和作物产量的影响

王天乐<sup>1,2,3,4</sup>, 王晓娟<sup>2,3,4\*</sup>, 刘恩科<sup>2,3,4</sup>, 史向远<sup>2,3,4</sup>

(1. 山西农业大学农学院, 山西 太谷 030801; 2. 山西农业大学山西有机旱作农业研究院, 太原 030031; 3. 省部共建有机旱作农业国家重点实验室(筹), 太原 030031; 4. 有机旱作农业山西省重点实验室, 太原 030031)

**摘要:**为研究不同连作、轮作组合对土壤细菌群落和作物产量的影响,选择北方旱地常见种植作物甘蓝(C)、菜豆(B)和玉米(M),以3种作物轮作下甘蓝-玉米-甘蓝(CMC)、菜豆-玉米-甘蓝(BMC)、甘蓝-甘蓝-甘蓝(CCC)、甘蓝-玉米-菜豆(CMB)、菜豆-玉米-菜豆(BMB)、菜豆-菜豆-菜豆(BBB)、甘蓝-甘蓝-玉米(CCM)、甘蓝-菜豆-玉米(CBM)、菜豆-菜豆-玉米(BBM)、菜豆-甘蓝-玉米(BCM)共10种轮作组合为对象,利用Illumina HiSeq高通量测序平台,基于16S rRNA基因序列扩增子测序,研究10种轮作模式下耕层土壤细菌群落结构和多样性的变化,分析其不同变化对作物产量的影响。结果表明:各处理间细菌OTU数目差异较小,丰富度间没有差异;前茬种植作物为甘蓝时,CCC处理特有OTU数为2,BMC处理特有OTU数为1;前茬种植作物为菜豆时,BBB处理无特有OTU,CMB处理轮作特有OTU数为1;前茬种植作物为玉米时,CCM、CBM、BCM处理均有1个特有OTU。BCM处理的土壤细菌丰富度指数(Ace指数和Chao1指数)显著低于CCC处理,但CCC、BCM处理与其余处理间无显著差异;与CCC处理相比,BCM处理的Ace指数降低了2.6%,Chao1指数降低了2.5%。CMC、BMC、CCC、BMB、CCM、BBM处理的土壤细菌多样性指数(Shannon指数)较CBM处理显著提高了3.3%~3.6%。与连作相比,CBM处理土壤细菌相对丰度和群落结构变化最大,BCM处理次之;与CCC处理相比,轮作能够降低土壤细菌丰富度和土壤细菌多样性。CMB和BMB处理细菌优势门(相对丰度>10%)为变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes),其余处理细菌优势门为变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、厚壁菌门(Firmicutes);各处理相对丰度最大的门是变形菌门(25.0%~31.1%)。与连作相比,CBM处理显著降低酸杆菌门、绿弯菌门、放线菌门相对丰度,显著提高拟杆菌门相对丰度。属水平相对丰度聚类热图显示,CMC、BBB、CCM处理与BMC、BBM、BCM处理土壤细菌群落相似性较高,CCC、CMB、BMB处理与CMC、BMC、BBB、CCM、BBM、BCM处理群落相似性次之,CBM处理与其余9种处理细菌群落差异最大。前茬种植作物相同时,各处理产量均无显著差异,其中CMC、BMB、BBM处理产量最高。综合而言,菜豆-菜豆-玉米为最优轮作组合。

**关键词:**轮作;土壤细菌,细菌多样性;细菌群落结构

中图分类号:S635;S643.1;S513 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2022)02-0375-12 doi:10.11654/jaes.2021-1258

## Effects of different crop rotation combinations of cabbage, kidney bean, and maize on bacterial community and crop yield in light brown soil

WANG Tianle<sup>1,2,3,4</sup>, WANG Xiaojuan<sup>2,3,4\*</sup>, LIU Enke<sup>2,3,4</sup>, SHI Xiangyuan<sup>2,3,4</sup>

收稿日期:2021-10-27 录用日期:2021-12-29

作者简介:王天乐(1998—),女,山东泰安人,硕士研究生,主要从事节水农业研究。E-mail:wtle1988@163.com

\*通信作者:王晓娟 E-mail:juanwxj@126.com

基金项目:山西省优秀青年拔尖人才项目(HNZXBJ001);山西省重点研发计划重点项目(201703D211002-7-1);山西农业大学省部共建有机旱作农业国家重点实验室(筹)自主研发项目(202105D121008-1-7)

Project supported: Shanxi Province Excellent Young Top Talents Project, China (HNZXB001); The Key Research and Development Program of Shanxi Province, China (201703D211002-7-1); Shanxi Agricultural University State Key Laboratory of Sustainable Dryland Agriculture (in Preparation) Independent Research and Development Project, China (202105D121008-1-7)

(1. College of Agronomy, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, China; 2. Shanxi Institute of Organic Dryland Farming, Shanxi Agricultural University, Taiyuan, 030031, China; 3. State Key Laboratory of Sustainable Dryland Agriculture (in Preparation), Shanxi Agricultural University, Taiyuan 030031, China; 4. Shanxi Key Laboratory of Organic Dryland Farming, Shanxi Agricultural University, Taiyuan, 030031, China)

**Abstract:** Soil bacterial community and crop yield are affected by different combinations of continuous cropping and rotation. Cabbage (C), kidney bean (B), and maize (M) commonly grown in northern dry land were selected and used for this study. The experiment comprises a total of ten crop rotation combinations under three crop rotations: CMC, BMC, CCC, CMB, BMB, BBB, CCM, CBM, BBM, and BCM. Illumina HiSeq high-throughput sequencing and physicochemical test methods were used to study the changes in bacterial community structure and diversity in topsoil under the ten cropping rotation modes. To provide basis for rational crop rotation of cabbage, kidney bean, and maize in semiarid region of light brown soil, the effects of different changes on crop yield were analyzed. The results showed that there was a little difference in the OTUs and there was no difference in the richness of bacteria. The OTUs specific to CCC treatment was two, while the OTUs specific to BMC, CMB, CCM, CBM, and BCM treatment was one. The richness index of soil bacteria in BCM treatment was significantly lower than that in CCC treatment. Compared with that of CCC treatment, Ace index of BCM treatment decreased by 2.6%, while Chao1 index decreased by 2.5%. The Shannon index of soil bacteria in CMC, BMC, CCC, BMB, CCM, and BBM treatments was significantly higher than that in CBM treatments by 3.3%~3.6%. Compared with those in continuous cropping treatment, the changes in relative abundance and community structure of bacteria in CBM treatment were the largest, followed by BCM treatment. Compared with CCC treatment, crop rotation reduced richness and diversity of soil bacteria. Proteobacteria, Acidobacteria, and Bacteroidetes were the dominant phyla in CMB and BMB treatments. The dominant phyla in other treatments were Proteobacteria, Acidobacteria, Bacteroidetes, and Firmicutes. Proteobacteria was the phylum with the largest relative abundance in each treatment. Compared with those of soil bacteria under continuous cropping, the relative abundance and community structure of soil bacteria under CBM treatment changed the most. It significantly reduced the relative abundance of Proteobacteria, Chloroflexi, and Actinobacteria but increased the relative abundance of Bacteroidetes. Abundance cluster heatmap of bacteria at genus level showed that CMC, BBB, and CCM treatments were more similar to BMC, BBM, and BCM treatments in terms of soil bacterial community, followed by CCC, CMB, and BMB treatments with CMC, BMC, BBB, CCM, BBM, and BCM treatments. CBM treatment had the greatest difference in bacterial communities compared with the remaining nine treatments. Although, there was no significant change in crop yield, CMC, BMB and BBM treatments had the highest yield. In general, kidney bean - kidney bean - maize was the best crop rotation combination.

**Keywords:** crop rotation; soil bacterial; bacterial diversity; bacterial community structure

土壤是作物生长繁育的基地,土壤中有着种类繁多、数量巨大的微生物类群,作为土壤生态系统重要组成部分之一,这些微生物联系着作物与土壤,在适应土壤环境的同时影响着作物生长,形成土壤-作物-微生物影响机制,因此,土壤微生物与农业可持续发展关系紧密<sup>[1]</sup>。细菌在土壤微生物中所占比例最大,是土壤微生物的重要组成部分,是土壤中最活跃的因素<sup>[2]</sup>,具有数量多、分布广等优势<sup>[3]</sup>。土壤细菌的群落结构和多样性会因作物种植模式不同产生变化<sup>[4]</sup>,因此在研究轮作和连作两种重要的作物种植模式时,常用土壤细菌群落的变化来具体说明<sup>[5]</sup>种植模式不同而产生的差异。

连作障碍多发生于旱地,作物经济效益好且需求量大,导致种植面积大、复种指数高,连作障碍问题日渐突出。结球甘蓝和菜豆因具有较强的生态适应性,而成为我国种植面积较大的蔬菜作物,同时也成为十字花科和豆科作物中的连作障碍高发物种<sup>[6-7]</sup>。土壤

连作障碍是作物与土壤两个系统之间多种因素相互作用的结果,所产生的障碍主要表现为土壤病虫害严重<sup>[8]</sup>、作物生长受限<sup>[9]</sup>、产量下降<sup>[10]</sup>等。有研究表明,连作障碍是作物与特异微生物共同作用的结果,土壤微生物群落结构变化、有害微生物含量增加是产生连作障碍的主要原因<sup>[11]</sup>。有研究发现,相较短期连作,长期连作可提高细菌群落多样性指数与 OTU 数量<sup>[12]</sup>,这与陈雪丽等<sup>[13]</sup>研究黑土大豆种植和刘素慧等<sup>[14]</sup>研究大蒜种植得出的结论不同,说明连作年限和种植作物不同对结果存在较大影响。

轮作是目前国际公认的防治作物连作障碍应用最广泛、最经济有效的措施。相对连作处理,轮作会提高细菌群落多样性指数,显著改变群落结构<sup>[15]</sup>。旱地多采用禾谷类或豆类作物参与轮作种植,以增加土壤有机质含量、改良土壤团粒结构,缓解连作障碍<sup>[16]</sup>。玉米是我国重要的粮食作物之一,具有强耐旱性、耐寒性、耐贫瘠性以及极好的环境适应性,也是畜牧业

和养殖业的重要饲料来源。糯玉米除具有普通玉米抗逆性强的优点外,还具有较高的营养价值,因此常被用于轮作研究<sup>[17]</sup>。已有研究表明菜豆与绿叶菜短期轮作可获得高效生产<sup>[18]</sup>。豆科与禾本科作物适当配合轮作可增加土壤有机质,有利于后作叶菜类作物的种植<sup>[19-20]</sup>。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验区自然条件与试验地概况

试验在山西农业大学旱地农业研究中心阳曲县凌井店河村基地进行,该地海拔1 248.5 m,年平均降水量450 mm,降雨多集中于夏季,其他三季雨水较少,且蒸发量大,为典型的半干旱区,属温带大陆性季风气候,年平均气温6~7℃,昼夜温差大,≥10℃的活动积温约2 600℃,年日照时数2 662 h,无霜期约120 d<sup>[21]</sup>。该地地势平坦,土壤为黄土质淡褐土,0~20 cm土层土壤基本理化性质为:有机质14.41 g·kg<sup>-1</sup>,全氮1.19 g·kg<sup>-1</sup>,全磷0.7 g·kg<sup>-1</sup>,全钾20.7 g·kg<sup>-1</sup>,pH 7.72。该区域农田种植主要依靠自然降水,主要种植玉米、结球甘蓝、菜豆等作物,一年一种,普遍连作。

### 1.2 试验材料

供试结球甘蓝(*Brassica oleracea* L. var. *capitata* L.)品种为“世农307”,菜豆(*Phaseolus vulgaris* L.)品种为“红珍珠”,糯玉米(*Zea mays* L. *sinensis* Kulesh)品种为“京科糯2000”。

### 1.3 试验设计

2018—2020年连续3 a定位进行单因素试验,形成玉米-甘蓝-菜豆轮(连)作体系,共10组处理(表1),每组3次重复,随机区组排列,每小区种植面积均为30 m<sup>2</sup>。根据当地大田施肥情况施用复合肥,结球甘蓝施用化肥600 kg·hm<sup>-2</sup>,并多施粒状过磷酸钙375 kg·hm<sup>-2</sup>,总计纯氮108 kg·hm<sup>-2</sup>、纯磷77.58 kg·hm<sup>-2</sup>、纯钾89.62 kg·hm<sup>-2</sup>;玉米和菜豆施用化肥1 200 kg·hm<sup>-2</sup>,总计纯氮216 kg·hm<sup>-2</sup>、纯磷94.32 kg·hm<sup>-2</sup>、纯钾179.24 kg·hm<sup>-2</sup>。种植密度为甘蓝33 333株·hm<sup>-2</sup>,菜豆64 000株·hm<sup>-2</sup>,玉米60 000株·hm<sup>-2</sup>。2020年试验玉米、菜豆于5月13日播种,甘蓝于6月10日移栽,期间菜豆多次采收(8月2日和13日),所有作物于9月11日收获,试验田旱作不灌水。

### 1.4 测定项目与方法

于2021年作物播种前使用小型土钻通过五点取样法采集各处理小区内表层(0~20 cm)土壤,土壤混

表1 试验的处理设置

Table 1 Processing settings for the experiment

处理 Treatment	2018年	2019年	2020年
CMC	甘蓝	玉米	甘蓝
BMC	菜豆	玉米	甘蓝
CCC	甘蓝	甘蓝	甘蓝
CMB	甘蓝	玉米	菜豆
BMB	菜豆	玉米	菜豆
BBB	菜豆	菜豆	菜豆
CCM	甘蓝	甘蓝	玉米
CBM	甘蓝	菜豆	玉米
BBM	菜豆	菜豆	玉米
BCM	菜豆	甘蓝	玉米

合后去除石块、根等杂质,使用2 mm孔径土壤筛过筛,装入封口袋,干冰封存。利用Illumina HiSeq高通量测序平台对细菌基因V3~V4区测序,用双末端测序(Paired-End)的方法,构建小片段文库进行测序,通过对Reads拼接过滤、聚类或去噪,并进行物种注释及丰度分析,揭示样品的物种构成;测定土壤中细菌群落结构、多样性,挖掘样品之间的相似性和差异性。甘蓝每小区随机取20颗,测定其球状体实际质量;菜豆每小区随机摘取8株枝上成熟豆角,不同时期3次测量相加后计算其产量;玉米每小区随机取20个,去掉雌穗苞叶连同玉米穗轴一同称质量,最后依次换算成所需面积产量。

### 1.5 数据处理

采用Excel 2003软件处理数据,SPSS 18.0软件进行统计分析,利用R语言工具绘图。

## 2 结果与分析

### 2.1 作物不同轮作组合下土壤细菌16S rRNA的V3~V4区原始数据分析

通过统计各阶段的序列数、序列长度等参数对数据进行评估。10个处理,3次重复,共30个样品,测序共获得2 398 950对原始序列(Raw reads),2 386 493条高质量序列(Clean reads),2 334 112条有效序列(Effective reads),每个样品至少产生232 425条有效序列,平均产生233 411条有效序列,平均长度在418~421 bp之间。稀释曲线用于验证测序数据量是否足以反映样品中的物种多样性,并间接反映样品中物种的丰富程度。由图1可知,在各样品所含有有效序列数范围内,随着样品测序数目的增加,曲线趋于平缓,表明样品序列充分,可以进行数据分析。

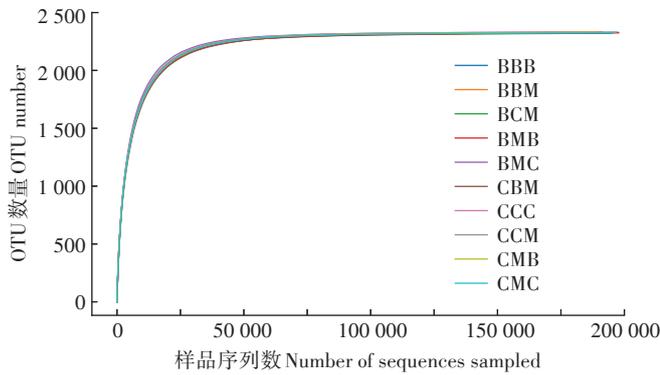


图1 样品稀释曲线

Figure 1 Each samples rarefaction curves

2.2 作物不同轮作组合下土壤细菌 OTU 聚类分析

对所有处理在 97% 序列相似度下得到的土壤细菌 OTU 数目进行统计,并绘制 Venn 图用以直观地找出不同处理中的共有特征和特有特征的数量,从而结合特征所代表的物种,找出不同环境中的特有微生物。由图 2a 可知,各处理的 OTU 数无显著差异,10 组处理共同拥有 OTU 数目为 2 299 个,前茬种植同种作物无特有 OTU,所测得细菌分别归属于 36 门、97 纲、199 目、318 科、588 属、653 种。

前茬种植作物为甘蓝时三者共有 2 324 个 OTU 数(图 2b); CCC 处理特有 OTU 数为 2,分别是

OTU1372 Firmicutes 门 Bacilli 纲 Lactobacillales 目 Lactobacillaceae 科 *Lactobacillus* 属 *Lactobacillus\_coryniformis* 种(厚壁菌门芽孢杆菌纲乳杆菌目乳杆菌科乳杆菌属棒状乳杆菌种)和 OTU1893 Firmicutes 门 Bacilli 纲 Bacillales 目 Paenibacillaceae 科 *Paenibacillus* 属 uncultured\_bacterium 种(厚壁菌门芽孢杆菌纲芽孢杆菌目类芽孢杆菌科类芽孢杆菌属未定名种);BMC 处理特有 OTU 数为 1,是 OTU2307 Proteobacteria 门 Gammaproteobacteria 纲 Betaproteobacteriales 目 Burkholderiaceae 科 *Limnohabitans* 属 uncultured\_bacterium 种(变形菌门  $\gamma$ -变形菌纲  $\beta$ -变形菌目伯克氏菌科 *Limnohabitans* 属未定名种);两两共有 OTU 数为 9。前茬种植作物为菜豆时三者共有 2 315 个 OTU 数(图 2c);BBB 和 BMB 处理无特有 OTU,CMB 处理特有 OTU 数为 1,是 OTU2133 Actinobacteria 门 Actinobacteria 纲 Frankiales 目 Sporichthyaceae 科 *hgcl\_clade* 属 *Actinobacterium*\_SCGC\_AAA278-O22 种(放线菌门放线菌纲弗兰克氏菌目鱼孢菌科 *hgcl* 分支属放线菌 SCGC\_AAA278-O22 种);两两共有 OTU 数为 20。前茬种植作物为玉米时四者共有 2 314 个 OTU 数(图 2d);除 BBM 处理无特有 OTU 外,其他处理均有 1 个特有 OTU,CCM 处理是 OTU2307 伯克氏菌科 *Limnohabitans* 属未定名种,CBM 处理是 OTU2133 鱼孢菌科 *hgcl* 分支属放线菌

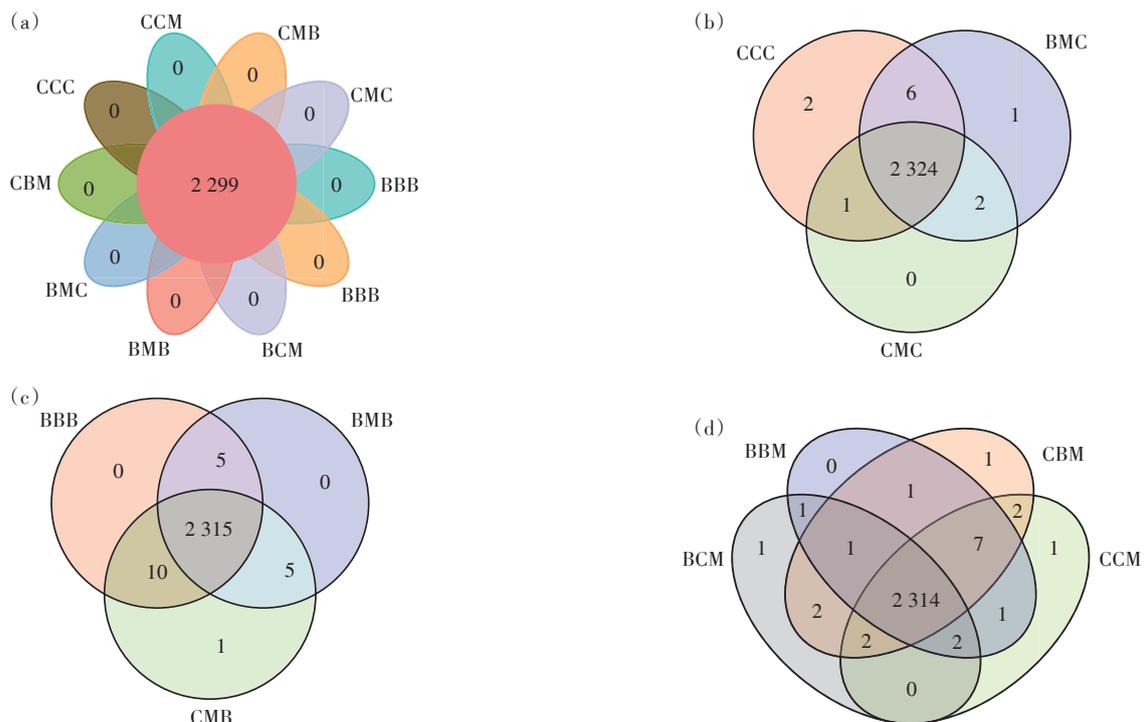


图2 各样品特征韦恩图

Figure 2 Venn diagram of characteristics of each sample

SCGC\_AAA278-O22种,BCM处理是OTU1893类芽孢杆菌科类芽孢杆菌属下未定名种;其余为两两共有或三者共有。

### 2.3 作物不同轮作组合下土壤细菌群落 Alpha 多样性分析

由表2可知,不同处理土壤细菌多样性指数覆盖率均在99.8%以上。Ace指数与Chao1指数变化相同,前茬种植同种作物的处理丰富度指数无显著差异,说明在本试验条件下细菌群落丰富度与轮作末期种植的作物有关联。CCC处理丰富度指数显著高于BCM处理,CCC、BCM处理与其余处理以及其余处理之间均无显著差异;除BMC和BCM两处理丰富度指数值低于BBB处理外,其余处理丰富度指数值均高于BBB处理。Shannon指数值显示,前茬种植作物分别为甘蓝和菜豆的处理间均无显著差异;前茬种植作物为玉米的处理间存在显著差异,CCM处理与BBM处理显著高于CBM处理;CMC、BMC、CCC、BMB、CCM与BBM处理均显著高于CBM处理,BMC、CCC、BMB处理较CBM处理提高3.6%,CMB、BBB、BCM处理高于CBM处理但差异不显著,CMB处理较CBM处理提高2.1%。各处理Simpson指数均在0.997左右趋近于1,说明细菌群落普遍优势度较高、多样性较低,指数值变化规律与Shannon指数相似。

上述结果说明,不同连作、轮作组合对土壤细菌群落多样性所造成的影响不同,相对连作处理,CBM处理细菌群落多样性指数和BCM处理细菌群落丰富度指数显著下降,其余处理影响不显著。

### 2.4 作物不同轮作组合下土壤细菌群落门水平组成结构分析

不同处理土壤细菌门水平的群落组成如图3所示。相对丰度大的10个细菌门分别为变形菌门Proteobacteria (25.0%~31.1%)、酸杆菌门Acidobacteria (18.5%~23.8%)、拟杆菌门Bacteroidetes (10.1%~13.7%)、厚壁菌门Firmicutes (9.0%~16.8%)、绿弯菌门Chloroflexi (6.3%~9.1%)、放线菌门Actinobacteria (5.4%~7.1%)、芽单胞菌门Gemmatimonadetes (3.7%~4.9%)、疣微菌门Verrucomicrobia (2.7%~3.6%)、硝化

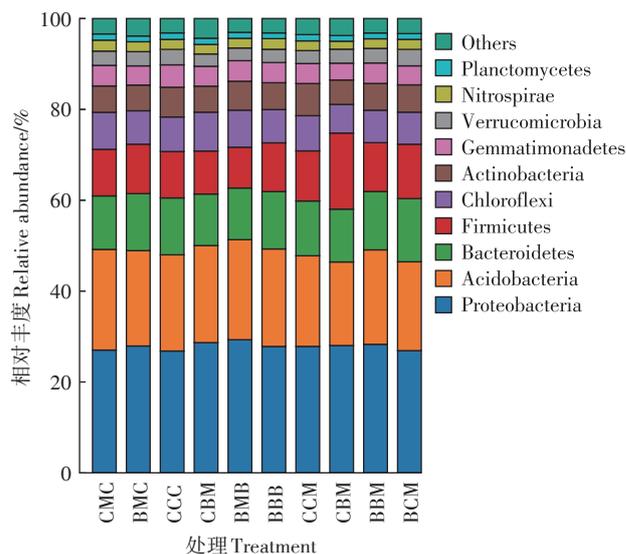


图3 不同处理土壤在细菌门水平的群落组成

Figure 3 Community composition of bacteria at phylum level in the different treatment soils

表2 各处理下土壤细菌 Alpha 多样性指数

Table 2 Bacterial alpha diversity index of soil under different treatments

处理 Treatment	丰富度指数 Richness index		多样性指数 Diversity index		覆盖率 Coverage rate/%
	Ace 指数 Ace index	Chao1 指数 Chao1 index	Simpson 指数 Simpson index	Shannon 指数 Shannon index	
CMC	2 366.53±41.38ab	2 378.45±42.62ab	0.997 5±0.000 2a	9.86±0.05a	99.9
BMC	2 345.42±36.64ab	2 357.68±41.99ab	0.997 5±0.000 1a	9.88±0.04a	99.8
CCC	2 385.14±20.75a	2 393.19±22.86a	0.997 5±0.000 1a	9.88±0.05a	99.8
CMB	2 360.38±24.93ab	2 372.74±22.53ab	0.996 6±0.002 0ab	9.74±0.29ab	99.8
BMB	2 361.44±7.75ab	2 374.05±11.24ab	0.997 7±0.000 1a	9.88±0.02a	99.8
BBB	2 349.40±33.57ab	2 364.93±37.07ab	0.997 4±0.000 2a	9.83±0.03ab	99.8
CCM	2 350.26±28.39ab	2 369.20±30.92ab	0.997 5±0.000 1a	9.85±0.04a	99.8
CBM	2 360.52±20.24ab	2 372.37±18.12ab	0.993 4±0.006 6b	9.54±0.45b	99.8
BBM	2 360.28±17.60ab	2 373.53±17.41ab	0.997 4±0.000 1a	9.86±0.03a	99.8
BCM	2 323.54±50.78b	2 333.62±48.70b	0.997 4±0.000 5a	9.82±0.11ab	99.8

注:不同小写字母表示不同处理间存在显著差异( $P<0.05$ )。

Note: Different lowercase letters refer to difference among treatments at  $P<0.05$  level.

螺菌门 Nitrospirae (1.8%~2.4%)、浮霉菌门 Planctomycetes (1.3%~1.4%), 其在 10 个处理土壤样品中的相对丰度比例之和均占土壤细菌总数的 95% 以上, 其他相对丰度低的细菌门合并为 Others。总体上看, 变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门和厚壁菌门 4 种细菌类群是各处理土壤中的主要菌群, 其相对丰度之和占细菌总数的 70% 以上。连作和轮作处理对细菌门类的组成无差异, 但在群落相对丰度上存在差距。

将不同处理土壤细菌优势门类排名前 6 的细菌进行分析, 比较不同处理土壤细菌群落组成差异, 结果如表 3 所示。前茬种植作物相同时, CMC 处理绿弯菌门相对丰度显著高于 CCC 处理; CMB 处理放线菌门相对丰度显著低于 BBB 处理; BCM 处理变形菌门相对丰度显著低于 CCM、CBM 和 BBM 处理, CBM 处理放线菌门相对丰度显著低于 CCM、BBM 和 BCM 处理, 其余处理间菌门丰度均无显著差异。

变形菌门相对丰度在各处理间差异较小, 除 BCM 处理显著低于 BMC、BMB、BBB、CCM、CBM 与 BBM 处理外, 其余处理两两间均无显著差异; CMC、BMC 处理略高于 CCC 处理。CCC 处理略低于 BBB 处理, 相对连作处理, CMB、BCM 轮作处理降低变形菌门相对丰度, 其余轮作处理(除 CMC 处理)均能够小幅度提高菌门相对丰度。

酸杆菌门 CBM 处理相对丰度显著低于 CMC、BMC、CCC、CMB、BMB 与 BBB 处理, BCM 处理显著低于 CMC、BMC、CCC 与 BBB 处理, CCM 处理显著低于 CMC 处理, 其余处理两两间均无显著差异; CMC 处理略高于 CCC 处理, CMB、BMB 处理略低于 BBB 处理。

相对连作处理, CBM、BCM 轮作处理能够显著降低酸杆菌门相对丰度, 其余轮作处理(除 CMC、BMC 处理)降低菌门相对丰度的效果不显著。

拟杆菌门 CMC 处理显著低于 BMC、BBB、CCM、CBM、BBM 与 BCM 处理, CMB、BMB 处理显著低于 CCM、CBM、BBM、BCM 处理, CCC、BBB 处理显著低于 CCM、CBM 处理, 其余处理两两间均无显著差异; CMB、BMB 处理略低于 BBB 处理。连作 CCC 处理略低于 BBB 处理, 相对连作处理, CCM、CBM 轮作处理显著提高拟杆菌门相对丰度, BMC、BBM、BCM 处理能够小幅度提高菌门相对丰度, CMC、CMB、BMB 处理能够小幅度降低菌门相对丰度。

厚壁菌门 CMB、BMB 处理显著低于 CBM 处理, 其余处理两两间均无显著差异, CMC、BMC 处理略高于 CCC 处理, CMB、BMB 处理略低于 BBB 处理。连作 CCC 处理略低于 BBB 处理, 相对连作处理, CMB、BMB 轮作处理降低厚壁菌门相对丰度, 其余轮作处理均能够小幅度提高菌门相对丰度。

绿弯菌门 CBM 处理显著低于 CMC、BMC、CCC、BMB 与 BBB 处理, BCM 处理显著低于 CMC、BMC、CCC 处理, CMB、BMB、BBB、CCM、BBM 处理显著低于 CMC、BMC 处理, CCC 处理显著低于 CMC 处理, 其余处理两两间均无显著差异, CMC、BMC 处理略高于 CCC 处理。连作 CCC 处理略高于 BBB 处理, 相对连作处理, CMC、BMC 轮作处理提高绿弯菌门相对丰度, CBM 处理显著降低菌门相对丰度, 其余轮作处理(除 BMB 处理)均能够小幅度降低菌门相对丰度。

放线菌门相对丰度在各处理间差异较小, CMB、

表 3 门水平上排名前 6 的细菌相对丰度差异

Table 3 Comparison of relative abundance of Top 6 bacteria on phylum level

处理 Treatment	变形菌门 Proteobacteria	酸杆菌门 Acidobacteria	拟杆菌门 Bacteroidetes	厚壁菌门 Firmicutes	绿弯菌门 Chloroflexi	放线菌门 Actinobacteria
CMC	0.27±0.02ab	0.24±<0.01a	0.10±0.01d	0.10±0.05ab	0.09±<0.01a	0.06±0.01a
BMC	0.28±0.02a	0.23±0.01ab	0.13±0.01abc	0.11±0.04ab	0.08±0.01ab	0.06±<0.01a
CCC	0.27±0.01ab	0.23±0.02ab	0.11±0.01bcd	0.10±0.02ab	0.08±0.01bc	0.06±0.01a
CMB	0.27±<0.01ab	0.22±0.02abc	0.11±0.01cd	0.10±0.03b	0.07±<0.01cde	0.05±<0.01b
BMB	0.31±<0.01a	0.22±0.01abc	0.11±<0.01cd	0.09±0.01b	0.07±<0.01cd	0.06±<0.01a
BBB	0.28±0.02a	0.23±0.02ab	0.12±<0.01bc	0.11±0.04ab	0.07±<0.01cd	0.06±0.01a
CCM	0.28±0.01a	0.20±0.01bcd	0.13±0.01a	0.11±0.03ab	0.07±<0.01cde	0.06±<0.01a
CBM	0.28±0.01a	0.18±0.02d	0.14±0.01a	0.17±0.08a	0.06±<0.01e	0.05±<0.01b
BBM	0.28±0.02a	0.21±0.02abcd	0.13±<0.01ab	0.11±0.01ab	0.07±<0.01cde	0.06±0.01a
BCM	0.25±0.02b	0.20±0.01cd	0.13±<0.01ab	0.12±0.06ab	0.06±0.01de	0.06±<0.01a

注: 不同小写字母表示不同处理间存在显著差异 ( $P < 0.05$ )。

Note: Different lowercase letters refer to difference among treatments at  $P < 0.05$  level.

CBM处理显著低于其余处理,连作CCC处理略高于BBB处理,相对连作处理,CMB、CBM轮作处理显著降低放线菌门相对丰度,CCM处理小幅度降低菌门相对丰度,其余轮作处理(除BMB处理)均能够小幅度提高菌门相对丰度。

## 2.5 作物不同轮作组合下土壤细菌属水平分布

由图4可以看出,在属水平上10个处理明显分为两大类,CBM处理轮作组合单列为一支,其余9个组合细菌群落结构较为接近,为另一支,说明CBM处理土壤细菌群落结构显著不同于其余处理,其对土壤细菌群落属水平组成结构的影响大于其他组合。区别于其他轮作组合,CBM轮作处理乳酸杆菌属(*Lactobacillus*)、魏斯氏菌属(*Weissella*)、未培养肠杆菌属类群(uncultured\_bacterium\_f\_Enterobacteriaceae)、艾克曼菌属(*Akkermansia*)、大肠杆菌志贺菌(*Escherichia-Shigella*)、气单胞菌属(*Aeromonas*)和副拟杆菌属(*Parabacteroides*)数值较大,超半数细菌属相对丰度较低。

除CBM处理外,其余9个组合又可分为3组,CMC、BBB和CCM处理为第一组,BMC、BBM和BCM处理为第二组,CCC、CMB和BMB处理为第三组。相对于第三组,第一组和第二组细菌群落结构差异较小,各组内3种处理细菌属群落结构分别具有一定的相似性,同时也说明3组间土壤细菌属群落组成相似性较低。

结果表明,取土样前最后种植作物、同种作物不同轮作顺序、同种作物轮作年限对土壤细菌属群落结构和各物种相对丰度均有影响,其中CBM轮作处理显著不同于其他9种处理。

## 2.6 不同轮作组合对产量的影响

在前茬种植作物相同时,分析不同处理对作物产量的影响,结果如表4所示,前茬种植作物相同的3个处理间均无显著差异。前茬种植作物为甘蓝时,CMC处理产量最高,相对CCC、BMC处理分别增产0.76%、8.30%;前茬种植作物为菜豆时,BMB处理产量最高;前茬种植作物为玉米时,BBM处理产量最高,其次为BCM处理,CBM处理产量最低。

## 2.7 不同组合的主成分分析

为明确不同处理对土壤细菌群落结构产生的差异,基于OTU水平绘制主成分分析图。如图5所示,解释度最大的两个变量命名为PC1和PC2,两者加和为82.63%,可在此累计方差解释度上解释土壤细菌属群落结构的变化。图中CMB、CBM处理和其余8个处理距离较远,表明CMB、CBM处理与其余处理间群

表4 不同处理对作物产量的影响

Table 4 Effects of different treatments on crop yield

处理 Treatment	产量 Yield/(kg·hm <sup>-2</sup> )
CMC	69 915.97±9 545.85a
BMC	64 554.91±6 675.62a
CCC	69 388.20±7 335.78a
CMB	33 378.40±1 815.86a
BMB	34 034.59±1 503.43a
BBB	32 258.67±1 984.66a
CCM	20 150.00±1 352.77a
CBM	18 950.00±1 361.07a
BBM	21 050.00±826.14a
BCM	20 500.00±377.49a

注:不同小写字母表示不同处理间存在显著性差异( $P<0.05$ );前茬作物相同的处理进行比较。

Note: Different small letters refer to difference among treatments at  $P<0.05$  level; The same treatments of previous crops were compared.

落结构差异较大,且CMB和CBM处理因受不同环境因素影响也存在显著区别。

## 3 讨论

轮作对土壤细菌群落种类组成无差异,但在群落相对丰度上存在差异。高通量测序结果表明,作物轮作、连作处理中共鉴定出细菌36门、97纲、199目、318科、588属、653种,同时还发现许多未被分类的细菌(unclassified bacteria)。

综合所得结果提出合理推测,厚壁菌门乳杆菌属棒状乳杆菌种、厚壁菌门类芽孢杆菌属下未定名种、变形菌门 *Limnohabitans* 属下未定名种和放线菌门 *hgcl* 分支属放线菌 SCGC\_AAA278-O22 种等4个种会对土壤产生不利影响,进而阻碍作物生长。放线菌门 *hgcl* 分支属放线菌 SCGC\_AAA278-O22 种存在于CMB和CBM处理中,且这两个处理与其他处理相比作物产量最低,此菌种的产生可能是导致轮作产量低于连作的原因。

基于 Illumina HiSeq 测序平台,利用双末端测序(Paired-End)的方法,在各处理的覆盖率指数均在99.8%以上的条件下,对不同轮作处理的土壤细菌16S rRNA序列V3~V4区进行高通量测序,以揭示样品物种组成的变化。马瑞瑞<sup>[22]</sup>通过研究芸豆短期连作、轮作对土壤微生物的影响表明,不同连作年限对土壤微生物的影响不完全相同。吴冬琴<sup>[23]</sup>通过研究甘蓝2、10、15 a不同连作年限对根际土壤微生物的影响进一步表明,土壤中细菌数量呈现先降低再升高再

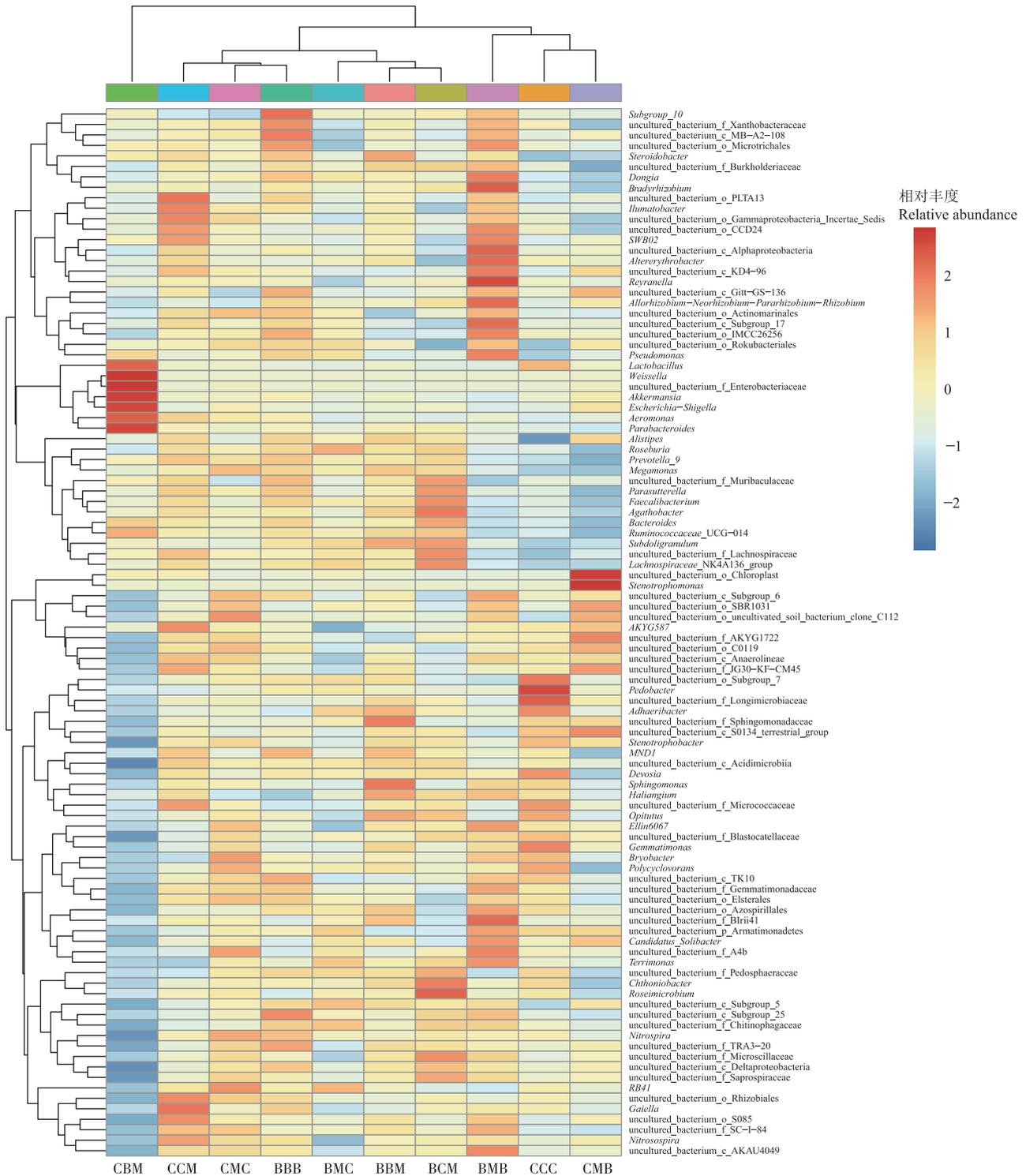


图4 不同处理土壤在细菌属水平的相对丰度聚类热图

Figure 4 Abundance cluster heatmap of bacteria at genus level in the different treatment soils

降低的周期性变化趋势。倪苗等<sup>[24]</sup>的研究表明豇豆连作与豇豆叶菜轮作处理对土壤细菌多样性的影响较小,轮作能够提高土壤细菌群落丰度。吴宏亮等<sup>[25]</sup>的研究表明,不同作物轮作与西瓜连作之间的土壤微

生物群落多样性指数变化不同,轮作多样性指数既有上升也有下降。连作使百合、黄瓜、辣椒、大豆等作物土壤细菌群落多样性指数与丰富度增加<sup>[26]</sup>。通过对比前人的研究发现,不同作物轮作、不同连作年限对

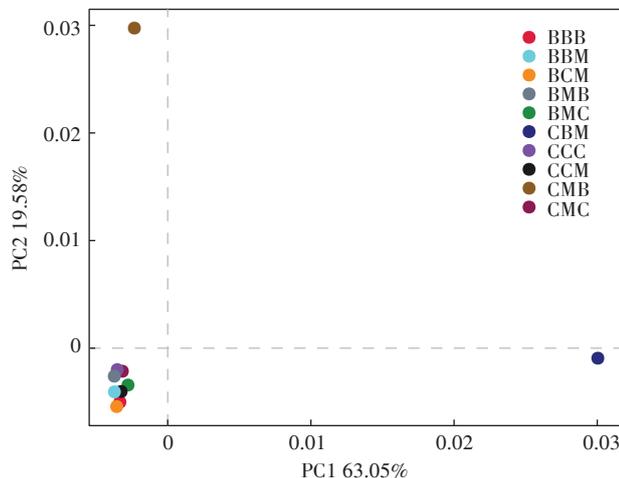


图5 不同处理下土壤细菌群落结构PCA分析

Figure 5 PCA analysis of soil bacterial community structure under different treatments

土壤细菌数量、多样性的影响机制不同。因无关于3 a内甘蓝连作、菜豆连作以及甘蓝、菜豆、玉米不同轮作组合对土壤细菌多样性方面的影响研究,因此无法形成精准的对比分析。

本研究结果表明,各处理间土壤细菌 OTUs 无显著差异;细菌丰富度指数在 BCM 处理中数值最低,显著低于 CCC 处理;细菌 Shannon 指数在 CBM 处理中数值最低,显著低于 CMC、BMC、CCC、BMB、CCM 和 BBM 处理。综合而言,相对连作处理,轮作 CBM 处理细菌群落多样性显著下降,BCM 处理细菌群落丰富度显著下降,其余轮作处理影响不显著,可能是因为 CBM、BCM 轮作处理中放线菌门 hgcl 分支属放线菌 SCGC\_AAA278-O22 种的存在导致土壤有益细菌群落大量减少,其原因还需进一步进行分析。

在门水平上,各处理细菌优势门均为变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、厚壁菌门、绿弯菌门。土壤细菌优势菌门组成与王进闯<sup>[27]</sup>研究的大豆连作、陈丹梅等<sup>[28]</sup>研究的作物轮作、徐新雯等<sup>[29]</sup>研究的烟蒜轮作较为相似。

前茬种植玉米相对于种植甘蓝、菜豆有利于提高拟杆菌门、厚壁菌门相对丰度,降低酸杆菌门、绿弯菌门相对丰度。相对于连作处理,前茬种植玉米时能够在一定程度上提高变形菌门、拟杆菌门、厚壁菌门相对丰度,降低酸杆菌门、绿弯菌门、放线菌门相对丰度;CBM 处理显著降低酸杆菌门、绿弯菌门、放线菌门相对丰度,显著提高拟杆菌门相对丰度;BCM 处理显著降低酸杆菌门相对丰度,CCM 处理显著提高拟杆菌门相对丰度,CMC 处理显著提高绿弯菌门相对

丰度,CMB 处理显著降低放线菌门相对丰度。

CCM 处理拟杆菌门相对丰度显著高于 CCC 处理,CMC 处理绿弯菌门相对丰度显著高于 CCC 处理,说明在 3 a 内甘蓝连作和甘蓝与玉米轮作对土壤菌门影响差异较大。BMC、CBM、BCM 与 CMB 处理土壤优势菌门存在差别,说明甘蓝、菜豆、玉米 3 种作物不同轮作组合对土壤优势菌门组成存在影响,且前茬种植作物为菜豆时影响较大。丁俊男等<sup>[30]</sup>研究玉米-大豆不同轮作模式对土壤的影响,结果表明前茬种植豆科有利于改善土壤微生物群落结构,提高微生物群落多样性,玉米-大豆-大豆轮作模式最优。

南丽丽等<sup>[31]</sup>研究苜蓿后茬轮作 4 种不同作物对土壤细菌门水平产生的影响发现,除酸杆菌门相对丰富呈增加趋势,其余优势菌门相对丰度均有下降。有研究表明酸杆菌门适宜生活在酸性环境中<sup>[32]</sup>,而种植玉米会降低土壤酸度,提高土壤 pH,这可能与本试验中 CCM、CBM、BBM、BCM 处理酸杆菌门相对丰度下降而其余处理无明显变化有关。CBM、BCM 处理相对丰度显著低于 CCC、BBB 连作处理,说明甘蓝、菜豆、玉米 3 种作物轮作且前茬种植作物为玉米时能够较大程度提高土壤 pH。酸杆菌可降解植物残体<sup>[33]</sup>,在贫瘠土壤中相对丰度更高,属于寡营养型细菌,用来判断土壤环境瘠薄程度<sup>[34]</sup>,这极大可能与 CMB、BMB 处理酸杆菌门相对丰度低于 CCC、BBB 连作处理存在相互关联。

变形菌门和酸杆菌门是衡量土壤营养状况的指标,通常土壤中酸杆菌门细菌与变形菌门细菌数量相当<sup>[35]</sup>,在陆地土壤微生物群落中分布最广、含量最丰富<sup>[35]</sup>。变形菌门在土壤细菌群落中相对丰度最高,是轮作处理较为常见且重要的细菌门,具有固氮作用和环境适应能力强<sup>[36]</sup>、抗病能力强<sup>[29]</sup>等优点,环境变化对其影响较小,属于富营养菌。变形菌门主要研究  $\alpha$ -变形菌纲、 $\beta$ -变形菌纲和  $\gamma$ -变形菌纲,在种植豆科作物中有效固氮菌主要是  $\alpha$ -变形菌和  $\gamma$ -变形菌<sup>[37]</sup>。

土壤酸杆菌门相对丰度下降使得其他细菌门竞争压力减小,有助于提高其他细菌门相对丰度如拟杆菌门,拟杆菌门与变形菌门都是富营养型细菌,在营养状态好的土壤中含量较高<sup>[38]</sup>。整体比较,前茬作物种植玉米有助于改善土壤营养状况。

有研究表明,厚壁菌门随土壤 pH 由 4 升高到 8,其相对丰度呈明显增加趋势<sup>[39]</sup>。CBM 处理厚壁菌门相对丰度显著高于 CMB、BMB 处理,这与适宜生活在

酸性环境中的酸杆菌门相对丰度变化相反,说明CBM处理土壤pH最高,这可能是造成CBM处理土壤细菌属显著区别于其他处理的原因。玉米适宜生活在土壤pH为5.8~7.5的环境中,糯玉米抗酸能力强耐盐碱能力差。

绿弯菌门作为自养型有益细菌,具有较强的生态恢复能力和生存优势,可降解受污染沉积物中的多环芳烃<sup>[40]</sup>,驱动生物地球化学循环。本研究轮作组合中CMC处理绿弯菌门相对丰度最高,CBM处理最低。放线菌门适宜生长在中性偏碱的土壤环境中<sup>[41]</sup>。有研究表明苜蓿轮作降低了土壤pH,从而降低放线菌门相对丰度<sup>[31]</sup>。CMB、CBM处理放线菌门相对丰度显著低于其他处理,结合厚壁菌门相对丰度的变化,说明CBM处理可能导致土壤pH升高,CMB处理可能导致土壤偏酸性。

在属水平上,CBM处理显著区别于其余9个处理,CMC、BMC处理物种组成和丰度与CCC处理更为接近,CMB、BMB处理物种组成和丰度与BBB处理更为接近。主成分分析显示,CBM处理土壤细菌群落结构显著区别于其他处理,CMB处理次之,其余8个处理差异较小。以上说明除CBM处理土壤细菌群落变化较大外,前茬种植同种作物时,轮作处理细菌属较为相似,并与连作处理差异较大。

前茬种植作物为甘蓝时,3个处理产量表现为CMC处理>CCC处理>BMC处理,这与种植后期BMC处理小区虫害严重、测产误差较大有关。前人研究表明,玉米-菜豆-马铃薯-甘蓝轮作组合的甘蓝产量最高,菜豆加入甘蓝轮作组合有利于提高产量,甘蓝连作导致产量下降,因此常规产量大小应为BMC处理>CMC处理>CCC处理。

前茬种植作物为菜豆时,产量高低为BMB处理>CMB处理>BBB处理,轮作处理产量均高于连作,这与丁素荣等<sup>[42]</sup>研究得到玉米大豆轮作相对大豆连作增产的结果相同。与传统粮豆轮作会增加产量相同,CMB处理放线菌门相对丰度变化较大且显著低于BMB、BBB处理,这可能是第一年种植甘蓝导致土壤酸度增加引起,这也是CMB处理产量低于BMB处理的原因。

前茬种植作物为玉米时,产量高低为BBM处理>BCM处理>CCM处理>CBM处理,这与前人研究大豆玉米轮作产量显著高于玉米连作产量,且大豆-玉米产量高于大豆-大豆-玉米的结果不同<sup>[43]</sup>。BBM处理产量最高,这与每茬菜豆种植前均施适量肥料避免第

二茬菜豆吸收第一茬菜豆残余养分导致土壤养分降低相关;CBM处理产量最低,与土壤细菌大部分属缺失且7种属含量较高有关,也可能与CBM处理使土壤pH提高较多,超过玉米适宜生长范围,进而影响土壤营养状况相关,这在6种土壤细菌门相对丰度变化上有所体现,CBM处理酸杆菌门、放线菌门相对丰度最低,其次为绿弯菌门、拟杆菌门、厚壁菌门相对丰度最高。酸杆菌门适宜生活在酸性环境,放线菌门适宜生活在中性偏碱环境,厚壁菌门在一定范围内随土壤pH增大而增加。前人研究表明,土壤pH是造成细菌群落结构变化的最大影响因子<sup>[12]</sup>。

#### 4 结论

(1)10组处理共有OTUs为2 299,分别归属于36门、97纲、199目、318科、588属、653种,不同处理间土壤细菌OTUs无较大差异。

(2)BCM处理细菌丰富度指数值最低,显著区别于CCC处理;前茬种植玉米可降低细菌多样性指数值,其中CBM处理多样性指数最低。

(3)各处理优势菌门主要为变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、厚壁菌门、绿弯菌门、放线菌门,CBM处理土壤细菌相对丰度和群落结构对比连作变化最大,显著降低酸杆菌门、绿弯菌门、放线菌门相对丰度,显著提高拟杆菌门相对丰度;在属水平上CBM处理与其余9种处理细菌群落差异最大。

(4)前茬种植作物相同时,各处理产量无显著差异。

(5)10组处理间对比无特有OTU,前茬种植作物相同的处理间对比存在特有OTU。

(6)菜豆-菜豆-玉米对作物产量和土壤富营养优势细菌综合影响最好,因此推荐该轮作组合。但本试验只针对轮作第3年作物进行了分析,还需进一步从土壤及作物其他角度进行比较,以明确轮作带来的效果和效果所能持续的年限。

#### 参考文献:

- [1] 卢虎,姚拓,李建宏,等. 高寒地区不同退化草地植被和土壤微生物特性及其相关性研究[J]. 草业学报, 2015, 24(5): 34-43. LU H, YAO T, LI J H, et al. Vegetation and soil microorganism characteristics of degraded grasslands[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2015, 24(5): 34-43.
- [2] 曹志平. 土壤生态学[M]. 北京: 化学工业出版社, 2007: 211-222. CAO Z P. Soil ecology[M]. Beijing: Chemical Industry Press, 2007: 211-222.

- [3] 张薇,魏海雷,高洪文,等.土壤微生物多样性及其环境影响因子研究进展[J].生态学报,2005,24(1):48-52. ZHANG W, WEI H L, GAO H W, et al. Advances of studies on soil microbial diversity and environmental impact factors[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2005, 24(1):48-52.
- [4] 苏燕,李婕,曹雪颖,等.水旱轮作模式下马铃薯根际土壤细菌群落多样性分析[J].南方农业学报,2020,51(10):2374-2382. SU Y, LI J, CAO X Y, et al. Diversity analysis of bacterial community in potato rhizosphere soil under the mode of paddy-upland rotation[J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2020, 51(10):2374-2382.
- [5] 洪洁,康建依,刘一倩,等.生菜连作及生菜-菠菜轮作对土壤细菌群落结构的影响[J].生物技术通报,2019,35(8):17-26. HONG J, KANG J Y, LIU Y Q, et al. Effects of continuous cropping of lettuce and rotation of lettuce-spinach on soil bacterial community structure[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2019, 35(8):17-26.
- [6] 秦潮,李庆华,刘瑞宇.山西蔬菜产业发展情况与对策建议[J].中国农技推广,2015,31(3):3-5. QIN C, LI Q H, LIU R Y. Development situation and countermeasures of vegetable industry in Shanxi Province[J]. *China Agricultural Technology Extension*, 2015, 31(3):3-5.
- [7] 张立军,张宏喜,杜冬梅.东北高寒地区温室冬春茬菜豆栽培技术[J].特种经济动植物,2021,24(2):39-40,44. ZHANG L J, ZHANG H X, DU D M. Cultivation technology of greenhouse winter and spring crop kidney bean in northeast alpine region[J]. *Special Economic Animals and Plants*, 2021, 24(2):39-40,44.
- [8] 孙雪婷,李磊,龙光强,等.三七连作障碍研究进展[J].生态学报,2015,34(3):885-893. SUN X T, LI L, LONG G Q, et al. The progress and prospect on consecutive monoculture problems of *Panax notoginseng*[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2015, 34(3):885-893.
- [9] 杨科,刘文瑜,王旺田,等.连作对藜麦生长和生理特性的影响[J].江西农业大学学报,2021,43(2):244-252. YANG K, LIU W Y, WANG W T, et al. Effects of continuous cropping on growth and physiological characteristics of quinoa[J]. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis*, 2021, 43(2):244-252.
- [10] 马瑞瑞,高小丽,崔雯雯,等.芸豆连作田土壤酶活性和养分含量研究[J].华北农学报,2013,28(5):157-162. MA R R, GAO X L, CUI W W, et al. Research on soil nutrient and soil enzyme in kidney bean field with continuous cropping[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2013, 28(5):157-162.
- [11] 吴林坤,林向民,林文雄.根系分泌物介导下植物-土壤-微生物互作关系研究进展与展望[J].植物生态学报,2014,38(3):298-310. WU L K, LIN X M, LIN W X. Advances and perspective in research on plant-soil-microbe interactions mediated by root exudates[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2014, 38(3):298-310.
- [12] 刘株秀,刘俊杰,徐艳霞,等.不同大豆连作年限对黑土细菌群落结构的影响[J].生态学报,2019,39(12):4337-4346. LIU Z X, LIU J J, XU Y X, et al. Effects of continuous cropping years of soybean on the bacterial community structure in black soil[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, 39(12):4337-4346.
- [13] 陈雪丽,王玉峰,李伟群,等.黑土区连作大豆根际微生物群落结构的动态变化[J].大豆科学,2018,37(5):748-755. CHEN X L, WANG Y F, LI W Q, et al. Dynamic changes of microbial community structure in the rhizosphere of continuous cropping soybean in black soil[J]. *Soybean Science*, 2018, 37(5):748-755.
- [14] 刘素慧,刘世琦,张自坤,等.大蒜连作对其根际土壤微生物和酶活性的影响[J].中国农业科学,2010,43(5):1000-1006. LIU S H, LIU S Q, ZHANG Z K, et al. Influence of garlic continuous cropping on rhizosphere soil microorganisms and enzyme activities[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2010, 43(5):1000-1006.
- [15] 纳小凡,郑国旗,邢正操,等.连作对再植枸杞根际细菌群落多样性和群落结构的影响[J].土壤学报,2017,54(5):1280-1292. NA X F, ZHENG G Q, XING Z C, et al. Effects of monocropping on diversity and structure of the bacterial community in rhizosphere of replanted *Lycium barbarum* L.[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2017, 54(5):1280-1292.
- [16] 王军,张海生,李方舟,等.粮豆轮作——促进农业可持续发展的有效决策[J].大豆科技,2016(4):22-24. WANG J, ZHANG H S, LI F Z, et al. Grain and bean rotation is an effective decision to promote the sustainable development of agriculture[J]. *Soybean Science & Technology*, 2016(4):22-24.
- [17] 杨小倩,鄧慧,张辉,等.玉米不同部位化学成分、药理作用、利用现状研究进展[J].吉林中医药,2019,39(6):837-840. YANG X Q, ZHI H, ZHANG H, et al. Research progress on chemical constituents, pharmacological activity and utilization status of different parts of corn[J]. *Jilin Journal of Chinese Medicine*, 2019, 39(6):837-840.
- [18] 董文阁,董莉,刘晓伟,等.日光温室菜豆绿叶菜短期轮作高效生产模式[J].园艺与种苗,2020,40(10):25-26. DONG W G, DONG L, LIU X W, et al. High-efficiency production model for short-term rotation of bean and green leaf vegetable in solar greenhouse[J]. *Horticulture & Seed*, 2020, 40(10):25-26.
- [19] 王明总.蔬菜一年四熟露地高效栽培模式[J].中国蔬菜,2007(9):50-51. WANG M Z. Efficient cultivation model of vegetables in open field with four crops a year[J]. *China Vegetables*, 2007(9):50-51.
- [20] 李明.半干旱地区不同轮作方式的综合评价[D].晋中:山西农业大学,2015:42-45. LI M. Comprehensive evaluation of different crop rotation way in semi arid area[D]. Jinzhong: Shanxi Agricultural University, 2015:42-45.
- [21] 张冬梅,黄学芳,姜春霞,等.冷凉区旱地玉米微垄覆膜土壤水热及产量效应研究[J].作物杂志,2019(2):115-121. ZHANG D M, HUANG X F, JIANG C X, et al. Effects of micro-ridge film mulching on soil water and temperature and yield of dryland maize in cold areas [J]. *Crops*, 2019(2):115-121.
- [22] 马瑞瑞.连作对芸豆生理特性及土壤环境效应的影响[D].杨凌:西北农林科技大学,2014:27-28. MA R R. Continuous cropping on physiological characteristics in kidney bean and soil environment effect[D]. Yangling: Northwest A&F University, 2014:27-28.
- [23] 吴冬琴.转基因抗病烟草和连作甘蓝对根际土壤微生态的影响分析[D].重庆:西南大学,2014:50-51. WU D Q. Effect of disease-resistant transgenic tobacco and continuous cropping cabbage on micro-ecology environment of plant rhizosphere soil[D]. Chongqing: Southwest University, 2014:50-51.
- [24] 倪苗,成善汉,韩旭,等.轮作不同叶菜对连作豇豆土壤养分及微

- 生物特性的影响[J]. 中国蔬菜, 2019(5):64-69. NI M, CHENG S H, HAN X, et al. Effect of rotating different leafy vegetables on soil fertility and soil microbial characteristics of cowpea[J]. *China Vegetables*, 2019(5):64-69.
- [25] 吴宏亮, 康建宏, 陈阜, 等. 不同轮作模式对砂田土壤微生物区系及理化性状的影响[J]. 中国生态农业学报, 2013, 21(6):674-680. WU H L, KANG J H, CHEN F, et al. Effect of different rotation patterns on soil microbial population and physiochemical properties under gravel-sand mulched field conditions[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2013, 21(6):674-680.
- [26] 李润根, 曾慧兰, 曾建梅. 基于高通量测序的连作百合土壤细菌群落多样性研究[J]. 宜春学院学报, 2021, 43(3):85-91. LI R G, ZENG H L, ZENG J M. A study on diversity of soil bacterial community of continuous cropping lily based on high throughput sequencing [J]. *Journal of Yichun University*, 2021, 43(3):85-91.
- [27] 王进闯. 大豆连作对根际土壤生物群落的影响[D]. 北京: 中国农业大学, 2014: 18-19. WANG J C. The impact of continuous soybean monoculture on soil communities in the rhizosphere[D]. Beijing: China Agricultural University, 2014: 18-19.
- [28] 陈丹梅, 陈晓明, 梁永江, 等. 轮作对土壤养分、微生物活性及细菌群落结构的影响[J]. 草业学报, 2015, 24(12):56-65. CHEN D M, CHEN X M, LIANG Y J, et al. Influence of crop rotation on soil nutrients, microbial activities and bacterial community structures[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2015, 24(12):56-65.
- [29] 徐新雯, 林正全, 拓阳阳, 等. 烟蒜轮作对烟株根际土壤细菌群落结构的影响[J]. 西南农业学报, 2020, 33(9):1917-1924, 2137. XU X W, LIN Z Q, TUO Y Y, et al. Effects of tobacco garlic crop rotation on bacterial community structure of tobacco rhizosphere soil[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2020, 33(9):1917-1924, 2137.
- [30] 丁俊男, 王慧, 于少鹏, 等. 玉米-大豆轮作对土壤酶和根系微生物群落多样性的影响[J]. 黑龙江农业科学, 2021(4):11-16. DING J N, WANG H, YU S P, et al. Effects of maize soybean rotation on soil enzyme and root microbial community diversity[J]. *Heilongjiang Agricultural Sciences*, 2021(4):11-16.
- [31] 南丽丽, 郭全恩, 刘雪强. 荒漠灌区苜蓿后茬轮作不同作物对土壤细菌群落的影响[J]. 草地学报, 2021, 29(1):25-32. NAN L L, GUO Q E, LIU X Q. Effects of the alfalfa post-harvest rotation on soil bacterial community in arid desert oasis[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2021, 29(1):25-32.
- [32] 丁新景, 黄雅丽, 敬如岩, 等. 基于高通量测序的黄河三角洲4种人工林土壤细菌结构及多样性研究[J]. 生态学报, 2018, 38(16):5857-5864. DING X J, HUANG Y L, JING R Y, et al. Bacterial structure and diversity of four plantations in the yellow river delta by high-throughput sequencing[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(16):5857-5864.
- [33] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学进展[J]. 生物技术通报, 2016, 32(2):14-20. WANG G H, LIU J J, YU Z H, et al. Research progress of Acidobacteria ecology in soils[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2016, 32(2):14-20.
- [34] 杨安娜, 陆云峰, 张俊红, 等. 杉木人工林土壤养分及酸杆菌群落结构变化[J]. 林业科学, 2019, 55(1):119-127. YANG A N, LIU Y F, ZHANG J H, et al. Changes in soil nutrients and Acidobacteria community structure in *Cunninghamia lanceolata* plantations[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2019, 55(1):119-127.
- [35] HAN-SUK K, SANG-HOON L, YOUNG J H, et al. Diversity and composition of soil Acidobacteria and Proteobacteria communities as a bacterial indicator of past land-use change from forest to farmland [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 797:148944.
- [36] 王伏伟, 王晓波, 李金才, 等. 施肥及秸秆还田对砂姜黑土细菌群落的影响[J]. 中国生态农业学报, 2015, 23(10):1302-1311. WANG F W, WANG X B, LI J C, et al. Effects of fertilization and straw incorporation on bacterial communities in lime concretion black soil[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2015, 23(10):1302-1311.
- [37] XIAO C H, TANG H, PU L J, et al. Diversity of nitrogenase (*nifH*) genes pool in soybean field soil after continuous and rotational cropping[J]. *Journal of Basic Microbiology*, 2010, 50(4):373-379.
- [38] 乔沙沙, 周永娜, 刘晋仙, 等. 关帝山针叶林土壤细菌群落结构特征[J]. 林业科学, 2017, 53(2):89-99. QIAO S S, ZHOU Y N, LIU J X, et al. Characteristics of soil bacterial community structure in coniferous forests of guandi mountains, Shanxi Province[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2017, 53(2):89-99.
- [39] L L C, MICAH H, ROB K, et al. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(15):5111-5120.
- [40] LV X F, YU J B, FU Y Q, et al. A meta-analysis of the bacterial and archaeal diversity observed in wetland soils[J]. *The Scientific World Journal*, 2014:437684.
- [41] 赵璇. 中国北方主要草地类型土壤放线菌多样性和群落结构的比较研究[D]. 长春: 东北师范大学, 2015:29-33. ZHAO X. Comparison of diversity and structure of soil Actinobacteria communities across the main grasslands in northern China[D]. Changchun: Northeast Normal University, 2015:29-33.
- [42] 丁素荣, 魏云山, 周学超, 等. 大豆-玉米不同轮作模式效果评价[C]//中国作物学会大豆专业委员会. 第十届全国大豆学术讨论会论文摘要集. 中国作物学会大豆专业委员会: 中国作物学会, 2017. DING S R, WEI Y S, ZHOU X C, et al. Effect evaluation of different soybean-maize rotation patterns[C]//Soybean Professional Committee of the Crop Society of China. Abstract of the 10th National Soybean Symposium. Soybean Professional Committee of the Crop Society of China; Crop Society of China, 2017.
- [43] 刘铭. 种植制度对不同年代育成玉米品种农艺性状和养分吸收的影响[D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2019:85. LIU M. Effect of planting system on the agronomic trait and nutrient absorption maize hybrids released in different years[D]. Shenyang: Shenyang Agricultural University, 2019:85.